

HOMOLOGOUS PROTEINS:

Top BLAST hits:

	Score	E
gi 120741 gb U00004 GAC1_RAT GAMMA-AMINOBUTYRIC-ACID RECEPTOR G...	917	0.0
gi 590493 emb CAA38997.1 (X55272) GABA(A) receptor gamma-1 su...	878	0.0
gi 542694 pir JH0224 gamma-aminobutyric acid A receptor gamma ...	835	0.0
gi 109851 pir JH0316 gamma-aminobutyric acid A receptor gamma ...	726	0.0
gi 193406 gb AAB59635.1 (M86572) gamma aminobutyric acid A rec...	726	0.0
gi 120788 sp P18508 GAC2_RAT GAMMA-AMINOBUTYRIC-ACID RECEPTOR G...	725	0.0
gi 5738138 gb AAD50273.1 (AF165124) gamma-aminobutyric acid A ...	725	0.0
gi 1169612 sp P22723 GAC2_MOUSE GAMMA-AMINOBUTYRIC-ACID RECEPTO...	723	0.0
gi 109852 pir JH0317 gamma-aminobutyric acid/benzodiazepine re...	722	0.0
gi 4557511 ref NP_000807.1 gamma-aminobutyric acid A receptor,...	721	0.0
gi 120734 sp P22300 GAC2_EOVIN GAMMA-AMINOBUTYRIC-ACID RECEPTOR...	719	0.0
gi 6679315 ref NP_032099.1 gamma-aminobutyric acid (GABA-A) re...	719	0.0
gi 120735 sp P21543 GAC2_CHICK GAMMA-AMINOBUTYRIC-ACID RECEPTOR...	718	0.0
gi 108652 pir B39272 gamma-aminobutyric acid receptor A gamma-...	715	0.0

BLAST dbEST hits:

	Score	E
gi 766385 /dataset=dbest /taxon=9606 /...	82	3e-14
gi 691884 /dataset=dbest /taxon=9606 /...	72	3e-10
gi 8139045 /dataset=dbest /taxon=960...	66	2e-08
gi 610226 /dataset=dbest /taxon=9606 /...	62	3e-07

EXPRESSION INFORMATION FOR MODULATORY USE:

From BLAST dbEST hits:

gi|766385 Infant brain
gi|691884 Infant brain
gi|610226 Human brain

From tissue screening panels:

Human Fetal Brain

1 MHIFKARLEA PQLLPKQORV YVDFEELNLI EL EL TEPAD IGHRIKLTST
 51 PTWVLAIFIN KKHITQLING DLVYVNHIS ELI KKHITVI ETWVYVNLIG
 101 EVDFEELNMTT IDILFAATWF LKLEFENSTN KVMMLNNGVY SHIWIILSTFF
 151 PHLKPDLAGW IFTIKKLLPI WHHSPVLTET ELTINAE YL QHHIFEMDEH
 201 GPLEFEDTIG TPKHIEVEYW KKKVEVAII PTPKPLPAE VHHHTEIT
 251 HTIAPYVIM LIEFDLRRM SYETIITYIE ELITVIEWV SPWINEDAVE
 301 APTALGITTV LMTTLDTIA PPSLPKYSTV TATLDEAST ELVFAALME
 351 YGTLHYFTON LKSKTATDR KLMHACMTF GLHPCSTIE MNHICVPEQD
 401 DYGIQCLESK ECASFQCFE DCRTGSWREG KIHPIAKID SYSRIFFEPTA
 451 FALPNLVYWV IYLYL (SEQ ID NO:2)

FEATURES:

Functional domains and key regions:

Prosite results:

[1] PDOCC0001 PSC0001 ASN_GLYCOSYLATION
 N-glycosylation site

Number of matches: 4
 1 50-55 NKTW
 2 121-125 NCTM
 3 245-249 NNTF
 4 393-395 NISV

[2] PDOCC0004 PS00004 CAMP_PHOSPHO_SITE
 cAMP- and cGMP-dependent protein kinase phosphorylation site

221-221 KKPS

[3] PDOCC0005 PS00005 PKC_PHOSPHO_SITE
 Protein kinase C phosphorylation site

Number of matches: 5
 1 129-131 TMK
 2 153-155 SRK
 3 179-181 TLR
 4 247-249 SRF
 5 416-418 SWR

[4] PDOCC0006 PS00006 CK2_PHOSPHO_SITE
 Casein kinase II phosphorylation site

Number of matches: 4
 1 88-91 TVIE
 2 118-121 TWED
 3 331-334 TAMD
 4 426-429 SWRE

[5] PDOCC0008 PS00008 MYRISTYL
 N-myristoylation site

Number of matches: 3
 1 84-89 GVRETV
 2 142-147 GIRNST
 3 381-386 GLHFGG

[6] PDOCC0476 PS00453 FKBP_PP1ASE_1
 FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase signature 1

23-39 LPHLNTIHLGNCVKA

158-2.02 CYCLAMFEN BULK

Helix	Begin	End	Score	Certainty
1	281	301	1.780	Certain
2	307	327	1.408	Certain
3	336	356	1.931	Certain
4	382	402	0.643	Putative
5	451	471	1.604	Certain

BLAST Alignment to Top Hit:

gi11111111|gb|U00001.10|GAMMA-AMINO-BUTYRIC ACID RECEPTOR
 GAMMA-1 SUBUNIT [Rattus norvegicus]
 gi11111111|gb|U00001.10|GAMMA-AMINO-BUTYRIC ACID RECEPTOR
 GAMMA-1 SUBUNIT [Rattus norvegicus]
 gi11111111|gb|U00001.10|GAMMA-AMINO-BUTYRIC ACID RECEPTOR
 GAMMA-1 SUBUNIT [Rattus norvegicus]
 Score = 825 bits (2364), Expect = 0.0
 Identities = 441/466 (95%), Positives = 456/466 (97%), Gaps = 2/466 (0%)

Query: 1 MGRLFAFLFSPPELLRCQSRGVRLVFLLLTLHLGNCVDFADDEDDDLTVNKTWVLAPEKH 60
 MG K FLFSP LL SQ+RGVFL+FLLLTLHLGNC+DKADDEDDDLTVNKTWVLAPEKH
 Sbjct: 1 MGSGKVFLFSPSLWSQTRGVRLVFLLLTLHLGNCIDKADDEDDDLTMNKTWVLAPEKH 60

Query: 61 EGDITQILNLLQGYCNKLEPDIGVRPTVIETDVYVNSIGPVDPINMEYTTIDIFAQTFW 120
 EGDITQILNLLQGYCNKLEPDIGVRPTVIETDVYVNSIGPVDPINMEYTTIDIFAQTFW
 Sbjct: 61 EGDITQILNLLQGYCNKLEPDIGVRPTVIETDVYVNSIGPVDPINMEYTTIDIFAQTFW 120

Query: 121 DSRLKENSTHKVLMNLNMMVGKIWIPTFFERNRKSDAHWTTPNRLLEIWNDCPVLYTL 180
 DSRLKENSTHKVLMNLNMMVGKIWIPTFFERNRKSDAHWTTPNRLLEIWNDCPVLYTL
 Sbjct: 121 DSRLKENSTHKVLMNLNMMVGKIWIPTFFERNRKSDAHWTTPNRLLEIWNDCPVLYTL 180

Query: 181 RLITNAECYLHLNFIHDEHSCPLEFSSYGYPIKEIEYKWKPKPSVEVADPKYWRLYQFAF 240
 RLITNAECYLHLNFIHDEHSCPLEFSSYGYPIKEIEYKWKPKPSVEVADPKYWRLYQFAF
 Sbjct: 181 RLITNAECYLHLNFIHDEHSCPLEFSSYGYPIKEIEYKWKPKPSVEVADPKYWRLYQFAF 240

Query: 241 VGLRNSTEITHTISGLVIMTIFFDLSRRNGYFTIQTYIPCILTIVLSWVSEFWINKDAVP 300
 VGLRNSTEITHTISGLVIMTIFFDLSRRNGYFTIQTYIPCILTIVLSWVSEFWINKDAVP
 Sbjct: 241 VGLRNSTEITHTISGLVIMTIFFDLSRRNGYFTIQTYIPCILTIVLSWVSEFWINKDAVP 300

Query: 301 ARTSLGITTVLMTTILSTIARKSLPKVSYVTAMDLEFVSCHIFVFAALMEYGTLLHYFTSN 360
 ARTSLGITTVLMTTILSTIARKSLPKVSYVTAMDLEFVSCHIFVFAALMEYGTLLHYFTSN
 Sbjct: 301 ARTSLGITTVLMTTILSTIARKSLPKVSYVTAMDLEFVSCHIFVFAALMEYGTLLHYFTSN 360

Query: 361 QKKTATKIKLKNKASMTGLHFGSTLIPMNNISVPQ-EDDYGYYQCLEGKDCASFFCCF 419
 KSKT T+IKKLK+K S++PGLH GSTLIPMNNIS-PQ EDDYGYYQCLEGKDCASFFCCF
 Sbjct: 361 NKSKT-TRIKKLKSKTSVSPGLHAGSTLIPMNNISMPQGEDDYGYYQCLEGKDCATFFCCF 419

Query: 420 EDCKTGSWFEGRIHRIAKIDSYSRIFFPTAFALNLYVWVGYLYL 465
 EDCKTGSWFEGRIHRIAKIDSYSRIFFPTAFALNLYVWVGYLYL
 Sbjct: 420 EDCKTGSWFEGRIHRIAKIDSYSRIFFPTAFALNLYVWVGYLYL 465 (SEQ ID NO:4)

Hammer search results (Pfam):

Scores for sequence family classification (score includes all domains):

Model	Description	Score	E-value	N
PF00065	Neurotransmitter-gated ion-channel	580.9	8.2e-171	1
CE00364	E00364 glycine_receptor_alpha	244.4	7.3e-70	2
CE00363	E00363 glycine_receptor_beta	162.9	8.1e-47	2
CE00365	E00365 gbr-2	93.9	3.2e-24	3
PF00548	3C cysteine protease (picornain 3C)	2.1	5.2	1

Parsed for domains:

Model	Domain	seq-f	seq-t	hmm-f	hmm-t	score	E-value
CE00365	173	143	182	..	134	173	7.4
CE00363	173	67	351	..	47	330	139.9
CE00364	173	74	111	..	50	329	244.7
CE00365	273	202	111	..	264	34	70.9
PF00548	173	355	351	..	177	183	2.1
PF00065	173	64	439	..	1	520	580.9
CE00365	373	439	483	..	418	44	4.5
CE00363	273	430	483	..	479	504	37.7
CE00364	273	435	485	..	490	437	3.3

FIGURE 2, page 3 of 3

1 GATCTTAAAT TAAAGAAAT TTTTATTCTT ATTATTTTAA TTTTATTCTT
 51 CTCTAAATTT TTTTCAATTT TTAAGATTTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 101 TTTTCTTTCTT TTAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 151 GATTAAATTT TAAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 201 ATTATTTTAA TTAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 251 TTAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 301 TTTTATTCTT TTAAGAAATTT TTAAGAAATTT TTTTATTCTT ATTATTTTAA
 351 GAGAAAGAGA CTGCAATATCC TCTTTCACTA TTAAGAAATTT TTTTATTCTT
 401 TGGGGGGAGG AAACCTGGTG ACCAGGAATG CATGAGAGAT GGTCAATCAT
 451 TCATTCAATC ATTCAATTAT ACATTCAA TA TCTCTTCTT GGTCAATCAT
 501 GGGGGGATC CTGCAATATCC TCTTTCACTA TTAAGAAATTT TTTTATTCTT
 551 CCCAGCCACA AAATTAACAA AATTAATTAAC AAATTAACAA AGAATCTCA
 601 CGAAGCTGGG GAAACCAAT TAGTCAATCT CTGCTTCTCA CGGCTCTCTC
 651 TTGGAAGAGA GATTAGAAAT CCAGACCTCT GAGAGGAAAG AGGGAATGCG
 701 CCCGAATAG AGTCAAGACA GAGGAAATAG AGAAGGGAAG AAAGGAGGCC
 751 TCTCTCTAGG GAGGATTTCT GTTCAAGGCT ACTCAAGGCT TTTCTCTGCG
 801 CTGCGAGGGA GAAAGGTTT GTTCTCTGCT TAGAAGAAAG GAGGCTTTT
 851 CCTCTCTGGG CTCAATTTCT AGTCAAGAA CCCGCTCTCT TTTCTCTGCT
 901 GATTCTCTCA ACTCTTTTAA AATTAATTAAG TGGCAGGCT CTCTCTGCT
 951 GATTCTCTCT CTGCTCTCAAT TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1001 GAGGCTCTCT GGTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1051 TTTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1101 ACTTAAGAAA GGTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1151 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1201 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1251 TTTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1301 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1351 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1401 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1451 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1501 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1551 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1601 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1651 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1701 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1751 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1801 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1851 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1901 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 1951 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2001 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2051 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2101 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2151 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2201 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2251 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2301 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2351 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2401 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2451 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2501 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2551 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2601 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2651 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2701 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2751 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2801 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2851 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2901 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 2951 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 3001 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 3051 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT
 3101 CTCTCTGCT AATTAATTAAG TTTCTCTGCT TTTCTCTGCT ACTCTCTGCT

FIGURE 3, page 1 of 51

3151 A TGGGAAAG CTATTGAAAG ATTAAAGAT AATTTTAAAT TTATAAGAA
3251 TGTAGATTAAT CTGATTAAT TTCTTATTTT AATAAATAA CATTAAAAA
3351 TATATTTAAT TGTCTTTTCT TAATTATGCT TTATAGCTT CATTATTA
3451 AATTATTTAT ATATATTTAA AATTAATTTT AATTAATAA TTTTAAAGAA
3551 TGAAGTAAAT AATTTTAAAT AATAATTTAA TGAAGTAAAT CTTTCTTAA
3651 GATTTATAT ATATATTTCT TTCTTTTAA TGAAGTAAAT TTTTCTTAA
3751 AACATTTTCT TATGTAATTTT AATTAATTTT TATTAAGTAA TTTTCTTAA
3851 TGCATTTGCT TGTATGAGAT CAGTTTGG A AATATAGCAA TTAAGAGGAA
3951 ATAAAGGATG CTTTTCCTAA AATAAATAA TATAAATAA TTTTCTTAA
4051 AACATTTCTT TAAATAAGT AATAAATAA TATAAATAA TTTTCTTAA
4151 TTTATCTTTT TAATATTTAG TTGGAATGTA CAGATGCTAA CATTATTA
4251 TCACTGTAAG TCATATTTCT CTCTCTCTCT CTCTCTCTCT TGGTTAGTTT
4351 TCCCTTCTAA AACTAACCAT AATATTTT TTTGTAAGCA TTTTATGTT
4451 TTATATGATT TCCAAAAAT ATCTTGAAG TCATCTATTT TGGGACTTC
4551 CCAAAATGGA AGCAATTTT TTTATTTTAA TCAATTTTAA TGTATGTTT
4651 CCTCATTAAT TTCCATCAAC AGTATAGAAG AATAAATAA TTTTATTTT
4751 TATTGCTGAA CTATGAAAG CTATCTCTCT ATTATTAATA AACTGATG
4851 CATGCTTCT CTGATCTCT CTCTAGGAAG CTCTTCTCT TCTGACAA
4951 TTCTTTTAA TCTTTTCTCT TTGATTTTAA TTTTCTTAA TGAATTTAA
5051 AATCTTCTCT TAACTAGCTT TTTAAAAAAT AATTTTAAAT ATATTTTAA
5151 TGTATGTAAG AATTAAGCTT AATAAGCTT TATTAAGCTT TATAATTTA
5251 AATGTAAGTA AATAAGCTT AATAAGCTT TATTAAGCTT TATAATTTA
5351 GAGTCAATAA TCATCTATG TGTCTCTCT TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5451 AAAATAAGCT GCTTTTAAAT ATATCTATTT TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5551 TGTCTCTCT GGTCTCTCT GAATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5651 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5751 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5851 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
5951 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
6051 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
6151 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT
6251 TGTCTCTCT TGTCTCTCT AATTTTAA TGTCTCTCT TGTCTCTCT

FIGURE 3, page 2 of 51

9491 TTAAATCTT AATAAATAT ATTATATAT AATTTAT ATTTTAT
 9492 CTGAGGAA AAGATTAAT TTATTTTAA GTTGAAT TTATTTAA
 9493 TTATTTTCT TTATTTTCT TTTTGAAT ATTTTGAAT GTTGTCTG
 9494 TTGAGAGAA AAAAAAAT GATTTTCT AATGATATG TATATATA
 9495 AATTTATCT GAAATTTT AATTTATTT TTTTCTTT TAAAGAT
 9496 AATTTATCT TAAATTTT TTGGAATA AATTTATTT TTTTAA
 9497 ATATTTCTT TTATTTAT ATGATTTT TGTATATAT CTATATAT
 9498 GGGATTTAT TTTGAAGCT TAATTTGT TTTATTTT ATTCTATA
 9499 TGAGTTTCT GTTACAGAAA CTATATTTT TTTCTTTT ATTTTCTG
 9500 GAAAAAGTCC ATCTAAAT TCTCTTTT AATAATATG TATAATTT
 9501 CATCTTATTT GTTCTATTT AITTTAATG TTTTAACTT TTAAGATA
 9502 AAGTTGAGT TCTGATTTA CTTGATTTA ATGATGAAA AATTTAT
 9503 TCAATATTA ACAATATTT ATAGGAAAA TATTTATTT GTCTTTT
 9504 TTTCTTTT ATGTTCTCTA AAAAA TTTT TAGTTTCTT CAGTTAA
 9505 ATTTATTT CTTGTTATAG TTTCTTAA TCAATTTATA TGTATTT
 9506 TCAATTTCTA ATGATTAAT TTTTCTTT TTTTATTT TTTATTT
 9507 TTTATTTCT ATCAGAAAT TTTTAACTT TTTTAACTT CTTTATTT
 9508 GGTATTTCT CATAATTTT AATTTAAGT CAGATTTAT ATTTTAT
 9509 AITTTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAAGT AATTTAT
 9510 AATTTTCTT TCTGTTCTT TATTTATTT TTTATTTT TTTATTT
 9511 CAGATTTAT GTATTTAT TTTGATTT TTTGATTT AATTTAT
 9512 ATATTTCTT CTATTTAT TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9513 AAAATTTT GAGGTTCTA AATTTAAT TTTATTTT AATTTAT
 9514 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9515 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9516 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9517 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9518 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9519 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9520 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9521 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9522 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9523 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9524 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9525 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9526 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9527 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9528 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9529 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9530 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9531 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9532 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9533 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9534 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9535 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9536 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9537 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9538 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9539 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9540 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9541 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9542 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9543 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9544 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9545 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9546 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9547 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9548 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9549 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9550 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT
 9551 TAAATTTT CAGGTTCTA TTTATTTT TTTATTTT AATTTAT

FIGURE 3, page 4 of 51

12601 ATTTCCTTCT TAAATGATA TTTTCTTTTA AATTCTTTA AATTTTAA
12651 AATTGCTTTT TAAATTTTGA AATTAATTTT AATTCTTTA AATTTTAA
12701 TAAATGCTTT TTTTCTTTA TAAATTTTGA AATTAATTTT AATTCTTTA
12751 TTTTAAATTA TAAATTTTGA TTTTCTTTA AATTAATTTT AATTCTTTA
12801 GATTTCCTTT TTTTCTTTA TAAATTTTGA AATTAATTTT AATTCTTTA
12851 GATTTCCTTT TTTTCTTTA TAAATTTTGA AATTAATTTT AATTCTTTA
12901 GATTTCCTTT TTTTCTTTA TAAATTTTGA AATTAATTTT AATTCTTTA
12951 CTSTGGGCTT TAGATATTAG AATTTCTTCA GATGACACT TTTTAAATTA
13001 TTTCTCTTAT TATGTAATTT AATTTCTTCA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13051 TCTGCAAGAG CTCTTCACTT TAAATAGCT TCAATGCTT AATTTCTTTT
13101 TGTGCTGAT TTTTCTTTA TAAATAGCT TCAATGCTT AATTTCTTTT
13151 AGATCCAGAA TGGGCTTTCC TAAATAGCT TCAATGCTT AATTTCTTTT
13201 AAGCTTTTGA TTTTAACTTT TAAATAGCT TCAATGCTT AATTTCTTTT
13251 GATCAATTTA AGGCTCCCAT TTAATGCTT TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13301 TTTCACTTAT AATTTATGAA TAAATAGCT TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13351 GATCAATTTA TTAATAGCT TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13401 GATCAATTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13451 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13501 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13551 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13601 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13651 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13701 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13751 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13801 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13851 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13901 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
13951 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14001 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14051 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14101 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14151 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14201 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14251 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14301 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14351 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14401 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14451 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14501 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14551 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14601 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14651 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14701 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14751 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14801 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14851 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14901 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
14951 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15001 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15051 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15101 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15151 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15201 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15251 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15301 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15351 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15401 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15451 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15501 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15551 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15601 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15651 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA
15701 TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA TTTTCTTTA

FIGURE 3, page 5 of 51

50451 GATTCTTAAAT GATTCTTAAAT TAA A AGC TTTCTTAA TTTAAATAAA
50461 AATTGATTA GATTAAGATTT ATTAAATAT CTTAAATTT TAAATTTTBT
50471 TATAATTAAT AATTGATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50481 TATAATTAAT AATTGATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50491 AATAATTAAT AATAATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50501 GATTAATTAAT GATTAATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50511 ATTCTT TACA GATTAATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50521 AATAATTAAT AATAATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50531 TCAATTTTCAA ATATAATTTT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50541 GATTAATTAAT GATTAATTAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50551 TTTTCTTCAAT CAAATTTTCAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50561 CAATCTTAATA CAAATTTTCAAT ATTAAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50571 GGATTAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50581 TTCTTCAATTA GATTAATTTT TAAATTTTBT
50591 GGATTAATTA CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50601 GTTCTTCTTT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50611 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50621 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50631 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50641 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50651 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50661 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50671 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50681 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50691 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50701 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50711 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50721 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50731 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50741 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50751 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50761 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50771 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50781 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50791 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50801 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50811 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50821 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50831 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50841 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50851 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50861 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50871 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50881 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50891 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50901 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50911 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50921 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50931 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50941 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50951 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50961 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50971 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50981 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
50991 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT
51001 TATCTTCAAT CTTAAATTTT TAAATTTTBT

FIGURE 3, page 17 of 51

[illegible]

63001 TTTAAATATG AATACATATG GATTAATGAA GATTAATATG ATACTCTTGG
63051 GATTCTCTTG TGGTGGGGG AAGGTAAGG GATATATTA GAGGATATAT
63101 GTAATG TAA ATGATGATTT AATGCTGTA GATATGTA ATGGGATAT
63151 TATACATATG TAACTAAGTT GATCTTTTG GATCTGTA CTAAAGTGA
63201 AATTTATATG AATATATGAA AAAAAAAT AAAAAATAT CTGCGATATA
63251 AAAAAATATG AAAAAATATG AAAAAAAT AAAAAATAT CTGCGATATA
63301 TATGCTATTT CTATATTTTG GATCTTTTG TTTTATGCT TTTATTTTG
63351 TATCTGCTGA GCTGCTGCTT ACTTCTCTA TATATATAT GATTTATAT
63401 AAAAAATATG TATATATGCT AAAAAAAT GATGATATAT TTTATATGA
63451 AATATATATA ACTTCTCTA GATATATTA ATTTATATAT AATTTATTA
63501 AATATATATG GATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63551 AATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63601 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63651 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63701 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63751 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63801 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63851 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63901 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
63951 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64001 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64051 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64101 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64151 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64201 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64251 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64301 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64351 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64401 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64451 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64501 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64551 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64601 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64651 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64701 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64751 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64801 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64851 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64901 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
64951 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65001 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65051 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65101 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65151 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65201 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65251 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65301 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65351 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65401 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65451 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65501 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65551 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65601 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65651 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65701 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65751 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65801 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65851 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65901 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
65951 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA
66001 TATATATATG TATATATATG TATATATGCT TATATATAT TTTATATGA

FIGURE 3, page 21 of 51


```

81901 TTTTAACTTA TTTTGGTAT GTTAACTTAT AAAATTAAT TCTAACTAA
81901 AAATTAAGAG AATTTGACT AAATTCAGTA AATTTTTS TACTTTAGTA
82001 ACTTCAGCTT TAAATTTAAA ATGCAGGAG AATAAGCTT AAAATTTGAA
82001 TAGTATTTTA AATATTTTAA GGTCTTAA AATAAATAAA GTACAGCTT
82101 TTAATTTAAT TTAATTTGAA CTGATTACTT GATAAATAAA GTAGTTTAA
82101 AATACTAAT AATTTTACTT AAATTTTCTT TAATTTACTT ATAAGTTAT
82201 AATAATTTTA AATTTTAACT TCTATGATTC ATTTTATAA GATGGAATAA
82201 TTTTAACTAA TATTTTGTTC AAATATAATC TATAATTTGT TTCTAATGTA
82301 AGACTAATTA CTAATATTTA TGTAGCAACT TTTGTGCCAG AAAAAGAGCT
82301 GTTAATTTCT TTTTCTTTCG TTTTCATTTG ATTACCTTGC TTGAAATACA
82401 GTTAGTTGAT AACATAAAGC CATAGTTTTG TTGATTTTC TTCTAAGATA
82401 TTGTATTTCC AAGAAATAAT TGATTTATTT TTAACATATC AGTTACTGAA
82501 GACTTATGAA AAGGTCAATT TTTACCTGTC TTTTAATCCA GTCCATTTTC
82501 TGACACAATA TTAACAGAA CGCCAGTTGC ATTTACTTTG GTGATTTGCA
82601 AACTTGGACT GAGGCACCA GTCATTTTTT AAGAATGCAA GATGAAAAAA
82601 TCAGGTAAAA TCTAACCAT TTATTCTCTG CTTCATAGCA TTTATAATGT
82701 ATGATGAGGT TAAACTGAA ATATTAAAA CTGCAAATGC ACATTAATGC
82701 AAATTAATG CAGAGAGAAA TGATTATTTT TTTCTTTATG TTTTATGAAA
82801 GTGTTCAAT CCAATAAATA AAAATATTGA GGAACATTGC TTGATTTTAC
82801 TGAAGGCTT AAAAATTAT TACCTGGCAA ACTGAGTTGC AGGTCACATT
82901 GAGGATAAA TCTAAATAT GTGCTAATG CATTCCTT (SEQ ID NO:3)

```

FEATURES:

```

Start: 1120
Exon: 1120-1223
Intron: 1224-27733
Exon: 27734-27882
Intron: 27883-41045
Exon: 41046-41113
Intron: 41114-59512
Exon: 59513-59733
Intron: 59734-60573
Exon: 60574-60656
Intron: 60657-66477
Exon: 66478-66613
Intron: 66614-66744
Exon: 66745-66883
Intron: 66884-71263
Exon: 71264-71474
Intron: 71475-81666
Exon: 81667-81929
Stop: 81930

```

CHROMOSOME MAP POSITION:

Chromosome 4

ALLELIC VARIANTS (SNPs):

Position	Major	Minor	Domain
1419	T	C	Intron
1491	G	A	Intron
1495	C	T	Intron
1910	T	C	Intron
1119	G	T	Intron
1129	T	G	Intron
1129	T	G	Intron
6855	T	C	Intron
8996	G	A	Intron
10220	T	G	Intron
11628	A	C	Intron
11630	C	A	Intron

FIGURE 3, page 27 of 51

11471	A	G	Intron
11541	T	C	Intron
11584	A	G	Intron
12135	G	A	Intron
12140	G	A	Intron
12182	T	C	Intron
12184	-	T A	Intron
12185	-	T	Intron
12197	-	C T	Intron
12204	-	T C	Intron
12205	-	T C	Intron
12208	-	A C	Intron
12209	-	C	Intron
12214	-	C A	Intron
12215	-	A T	Intron
12216	-	C	Intron
12217	-	C T	Intron
12218	-	T A	Intron
12219	-	T	Intron
12260	T	G	Intron
21243	A	G	Intron
21244	C	T	Intron
21371	A	G	Intron
21362	A	-	Intron
21321	C	T	Intron
21371	G	-	Intron
21372	A	-	Intron
21393	T	C	Intron
21394	G	A	Intron
21394	A	G	Intron
21510	-	A	Intron
21514	-	T	Intron
21603	T	G	Intron
21627	T	C	Intron
21713	C	T	Intron
21713	C	T	Intron
21818	G	T	Intron
21814	C	T	Intron
21897	T	-	Intron
21815	A	G	Intron
22000	-	T	Intron
22026	C	T	Intron
22146	G	A	Intron
22134	T	C G	Intron
22215	G	- C	Intron
22370	G	A	Intron
23389	T	A	Intron
2434	T	C	Intron
25795	G	T	Intron
33853	G	A	Intron
4129	T	-	Intron
4130	G	A	Intron
4132	G	A	Intron
4136	G	C	Intron
45196	G	A	Intron
46179	-	A	Intron
47128	T	C	Intron
38419	G	A	Intron
38569	A	C	Intron
41247	T	A	Intron
43361	G	A	Intron
43386	T	-	Intron
43389	A	-	Intron

FIGURE 3, page 28 of 51

44441	A	T	Intron
44442	T	A	Intron
44443	T	A	Intron
44444	A	-	Intron
44445	T	T	Intron
44446	G	A C	Intron
44447	T	C	Intron
55033	T	A	Intron
55081	T	C	Intron
55452	G	A	Intron
55845	A	G	Intron
57706	T	C	Intron
57866	G	C	Intron
64841	-	C A	Intron
65054	G	A	Intron
65125	A	G	Intron
65817	C	T	Intron
67551	T	C	Intron
67868	A	G	Intron
67988	G	T	Intron
70716	-	T	Intron
70717	A	T	Intron
70718	G	T	Intron
74356	T	C	Intron
74533	C	-	Intron
74536	C	- T	Intron
74537	-	T C	Intron
75204	G	T	Intron
75232	C	T	Intron
75752	G	A	Intron
76879	A	C	Intron
77135	-	A	Intron
77293	T	C	Intron
80047	C	A	Intron
81992	A	G	Beyond CEF(3')
82852	G	C	Beyond CEF(3')
82854	T	C	Beyond CEF(3')
82897	C	T	Beyond CEF(3')

Context:

DNA

Position
2419

AAAATACGTGATTAAGACATAGACACTTATAAAGGTCTGGGACATGGTACTCATACCAT
GCAACTTGTTCAAATAAATGTATTTTATCATTACATTATTAAGAAAGTAACTCTGTAT
AGAATTCAAAGTAAAGTACAAATTATTATGAAGATAGAAACATGCCTTTATAACTATTTG
TATCACTGCTAAAATGAATTATTATTATAAACGTAAGTGTAAGCTAGAGTGAATTTTTT
TGCCACACCGCATATAGAACAATATATTTTCTCTTAGAAAATAGAGATTGGATTAAAG
[T,C]
AGGCTAAGTAATATTAGACCTGTAGAATTTTTTGACAGTTACTGCTTTTGTAGGACTGA
AGTTTTCTCTCTCTTTTTTTTAAAGCCCTGTCCCTTAGATTCTTAAATGTTTGACACGAA
CATAAACATAATACCTGGATGAATTTTTCTTGTATATATTGTGTGTAATGGCTTATTCT
TTGAATATATATATAGCATTTTATAAAAGATAATTAGGTATACACATACATCATAATATTA
CAAAAGTAAAAACAGATTTTACAGTAGTTTTCTGAAATAACAAGCTTTTATCATTTTATAC

5131

GAAGGGACAGAGTGCAGGTTTACAGCCTGGAGACATGATCTCATGTGTCAAGGGCCTTT
AACCTCTCTGAACACAGGTTTCATCTATGAAATGAAGGATACTAGACCACATATGATTTCT
TAAGAGTTTTACATCAATACATCTATGATTTCACTGAAACATCAATAAGTCAATGGT
TGCTTTCACGTTTTTATCTAAGTATTTTTCAAGAGGGAAATTCTAAGTGTGAATACTATGG
ACTTTTTTAACCATATGTATAAGTGAGGAAGGTATTGTACAGTTAACACATAATTTTTATT
[G,A]
TCATAGTAATCTAGATAAGCTGGATTATTTTTCTCAGTGAATATATATACATTAAAAAT
ATATTTATAAGCTGTTGTTCTAATTAGCCCTACGGCTTCACTTATGACAGTTTCATGTTA

FIGURE 3, page 29 of 51

114

5910

7119

7529

7529

AACATACCATCTTTGTG CCAAGGTAGAGTCTCACAGTTTGGTAGAATTTT TTGTATATA
 CATTTTCTATATATTTTTAGGTGAGCCTTTACTCTGGT TGTGTAAAGATGTGGCCATTAAGT
 AGAAAATATCTATTTGAAGGCTATATAATTTAGTTTAA TTTTGAATTCCTGAATTTAGAA
 ATTTTCTCTCCGAAAGAAATTTATTTTGGAGATTGGACATTTCTCTATCTGTGTAGAA
 AATATATATAATGACTAAAAAGTAATAGAGATCTGTCTATGCAATAGAGATACAGGAAGTAA

8955

TTATAATTTAAIANGPFAAATAATPCTTATCTTGAAATATTTTAACAATTTAA
 GAATPCTCTGAATATAGATATCTGAAGATTTAGGAGCTTTGAATGCTAATATTT
 TATTTTTTTTAAATTAATTAATTTTATCTTCTGAATATTTAAATTTAAATTT
 TGAATAATCAATTTAATTTCAATATATTTTATTATTTTCTATTTTAAATAAT
 TATAATAAAATTAATTTTCTCTCTACTTCAAAAAGCAATCATAGAAATTTAA
 [T,C]
 AAAATAACATTTAGAAATTTCTGACCATTTACGAGCTTTGTGAGATTTCAATTTATTTT
 GGTTTGTAGTTTCTACACTCTCTTTTGGGAACAAAGTTGGCCCTCTAAACATAGCAAA
 TAAACAACAAAGACAAAATCTAAAGTTGGCAAGCTATACTGTITATTTGTAGTATTT
 ATTCTTTTATTAATAATCAATCAAAAATACAAAAATTCAAATCTATACCAAAAGCA
 TTAAGAAAAAATCTGTTTATAATTTGCTTTTATCTCTTTTCAAAAACATGCAAC

8956

GTGAATGTCACACGATTTGTATTTTCTAAGTCTAACTTATTTCTGTGACAGCACT
 ATGAAATGAAGTTAAATGGAGAACCAATGATAATTTCAATAATTTCTATTGAGT
 GTTCATTTTTTAAATAGACTATAATAAAATTAATTTCTCTCTCTTCTCTCTCTCTCT
 ACTCACATAGAAATGGTCACAAAATTAACATTTACATTTCTGGGCAATTTACGAGCTTCT
 GAAGATTTCAITGGATGGGTGTTTGTAGTTTCTACACTCTGCTTTTGAAGCAAAAGT
 [G,A]
 GCGTCTTAACATAGCAAAATTAACACAAAGACAAAATCTAAAGTTTGAAGCTATAC
 TTTTTTATTTCTATTTATTTTCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCT
 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCT
 TTTCTAAACATGCGACCGTACCAATTAATTTTAAATTTATTTCTGATTAATTTCT
 TTTCTATGCTATCTTATGTTAAATTTTATATTGATTAAATTAATTAATTAATTTCTCTG

10220

TTCCCTTTTTAAATAATATCTTATAATTTCTCATGTTTATTGTTTCTTAAITTTAATG
 GTTTAAACCTGTTACACACAAAGTTTGAATTTCTGATTAAACCTTTATTAATGATCAA
 AAATTTAGGAATCATACATTAATAATTTTATAGGCAAAATATTAATTTGTCTTTTTT
 TTTCTGTCTTATGTTCTTCTTAATAATTTCTTTAGTTTTCTCTACGCTTACATTTACCTT
 CCGTGTATATAATTTCCGCTTAATTTATTTCTATGCTATGTTGTCTATTTGAATGAGTAAG
 [T,G]
 TTTTTTCTCTGCTTTTTATTTTGAATTTGTATTTGTTATGCAAAATTTAGTATGTTT
 TTTAAATTAGCTTATGTTTATTTTATTTTACCATAATTTTAAATTAATTAATTAATTT
 AGTTTTAGTTATGTTCTTGAATTTATTTTATTTCTGAAATTAGCAATAGGATTTA
 AATTTTTTTTTCTGTTCACTTAATTTCTTCTATTTTATTTAAATTTGGGACAAACTAT
 GTATCAGATTTGGGAGTAGGTTCTGAGGTATCAGATTACATTTCTTTGCTCTAAGGTA

11628

TCCATGAATAGAGATAAAACAGCTTTCTACCAATTTGGAGTTTGAATTTAGGAGGGAGAA
 ATACACAGTAAACAATAAGCATAAATATATTAATTTGAAGTTTAAATTAATTAATTTTCT
 TCCAAATGGGCAATATAATTTAAGGTTAATACTATTTCTATTTATCATTTATGTA
 TAGGATTTTATAATTAATTTAGATTTATGGTGATACGTTAGGTTCTATGCTCCCCCCCCG
 CAAATCTCATCTTGAATTTGAATTTTACATAATCTTCAAGTTTCAACAGAGAGACAGGTG
 [A,C]
 ATGTAATTTGAATCATGGGGGTTTATACCTCTATGCTGTTCTCATTTAGTGAATTTCTCAG
 GAGATTTGATGGTTTTATAAGGTTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
 GCCTTGTAAGGAGGTACCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
 AGCCTTCCAGTTTATACTTAAATTTGTGATTTAAACCTCTTTCTTTTATAAATTTACTC
 AGCTTTGGGAGTTCTTTATACTAGTATAAAATTTGACTAATTAATTAAGAAACAAATAA

11670

GGCACTCAGGAGGGAGAAATAAGCAATAAAGCAATAAATTAATTTAATTTGGAAGT
 TATAAATTTATCTTTTGTCCAAATGGGCAATATAATTTAATCTGTTAATTAATTTTCA
 TCTTTATCATTTATGATAGATTTTATAATTAATTTAGATTTGATGATACGTTTATG
 GCTTCATGTCCTCCCCCGGCAATTTCTATCTTGAATTTGAATTTTCAATTTCCCAAGTGT
 CAAGAGAGAGACAGGTGAATTTAATTTGAATCATGGGGGAGTTTATCTATGCTGTTCT
 [C,A]
 ATGATAGTGAATTTCTCAGGAGATTTGATGGTTTATAAGGGGCTCTTCTCTCTCTCTCT
 GAGCTTTCT
 TGAATTTGAATTTTACTGAAGCTTTCTCAGTTTACTGAAGTTTCTGATCAATTAATTTCT
 TTTCTTTTAAATTTACTCAGTCTTGGGAGTTCTTTATAGCAGTATAAATTTGAGTAAAT
 ACATAGAGAAATTAATTAAGGGGTAAGGAGGTGTGGAATTTTATAGAGAGCAATAG

11671

GCCTCAGGAGGGAGAAATACACAATAACAAATAGCAATAAATTAATTTAATTTGGAATTT
 ATAAATTTATCTTTTGTCCAAATGGGCAATATAATTTAATCTGTTAATTAATTTTCAAT

FIGURE 3, page 31 of 51

11931
15984
17735
17910
18130

[illegible]

13452

19309

19314

19315

19316

FIGURE 3, page 34 of 51

GGTCAATGTTGATGTTGAGTGGTGGTCAATCTTAAATTTCTATATAAAATAGATTTT
 AGAAATAGATTAAGGTTACTGGAACTTATGATAGAAATAATTTATTTATTAATTT
 GTTGTAAATGTTGTTGTTGTTTCTTTTGAATGTAAGAAAAATATATATAGAA
 AGAAATGATATATGATTAATTTGTAAGAAATTTATATATATTTATATATAT
 GTATATATATTAATTAATGATATATATATATATATATATATATATATATATAT
 [-, -, T]
 ATTTAAATGGTTAATCTATTTATCTATACAGGTAAGTAATTTTAAAAATTTGAGGATTAAT
 GTGTGTGGAGATAGTTGATGTTGATCCGACCATATGGACATTTCAAATTAATTAAGT
 GGTATAAATACAGTTAGAGGTGAATCAATATATGAGTGTGAATAAGAAATTTCTCTGAACT
 TAAAAATTTTGGCTCAAGTAAATATTTCCCTTTTAAAGATCCCTTTGTTTGTATG
 TACTATAATTTAAAAAATTTCCAAATTTTCGAAATCTCCAAATGTACAGGGAACC

[illegible]

TCACA+TGTAGTTTCAGTAGCTGGTCATATCTCAAAATCTGGCTATATAAACTAGACATTTGAG
CAAGGACAGTAAAGACCTACTCTGAACCTTGGACAGAGAAAATTAATTCTGAGCCATCTAAATGG
TTGAAATAGGACTCTCTACTTTCTTTGTTTCTTGATGATAAAAAACAATCAATACCAAG
GAAAGTGCATACACCTACTTAACITGTAGAGAAATATCTATCATCTATCTATCTATCTATCT
ATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCT
[-,T]
CTAAGCTGTACCTATTTATCTATACAGCTAAGTAATTTTAGAAAAATTGAGGATTATCT
GTCTGGAGATAGTCTGATGTTGATCTCAACCGCTATTGGACATTCAAAATTAATTATGCTGG
TATAAATACAGCTTACAGGTGAATCAATGTTATGTATGTGTAATAACAATTTTCTGAAATTA
AAAAATTTTCCCTCAAGTAAATAATTGTCTCTTAAAGATCCCCCTTTGTTTTCGATGTA
CTAGTAATTTAAATAAATTTTAAATTTTCTTCAAAATCTCCTAAATGTACAGGAGCAAT

CTAGTAATTTAAGTAATTTTCAAAATTTTCTTGGAAATCTCTAAATGTACATGGCAATGAA
GATAATGAAGTTATAGGGCTATCCAAAGTCTTGGGACTGTCTTTCTACCAATATACAAAAA
ACAGTAGTGGTTTATATTGTGTGTATGATTTTTCATCAGCGCTCAGCAAACCTGAGTTTG
TTTCATTTTCTTTTCTAAGCAASTTTGGTTTTTGGTTTTCTTTTTTTCTTTTTCAGTTT
AATTTCTTTTGGCAATGCAATTTTAGAGAGACAGACCACTCTGCCAATGCTGCATCTGTTT
TG, G'
TTGATCTGTATCAATAATTGGCTAGAGGCTAATTAAGCAAGTATCATTCTGCCAATCTT
CTTCTCTTTGTTTTTGGCTTTGATTTTGGAAAGTCTCTTGGTTATAAAAAATGGAATTTG
GGAATCTGGGTTTTTATCTCTCTGTATTTTGTGTTGATTTCTGAAAAAGCAAGGATAGC
GTGGCCACTTTACGGTTTTTCAAGAAGAAATCTGAATTACCTTTTATAAATCCAGTAATG
TTTAATATATATTCAATTACCAAGGCTTTACAGAATAATAAAGCTTAAAGTTGATAG

GACIACACGTAATAATGTATTATGACTATAAGTAAAGTTGGTGCATTCAAGGATACAAGAG
GTATATGCTAAAAATTAATAATAACTAAGTTTAGTTAATGTAAACACATTAGTTATTAACA
TTTCAACAACACAGCGCAATAAATTAATTTTAAACATTTATAATATCTGAGGTTGGAGAGAAGA
TTGTAGAGCGGTTTTTTTCTTAAACTGTGTATTGGTTTCATAGACAGTTGATGATTACAT
CATTATCTACTTTTAAAGCTTCTTAAATACTTCATAAGTTGGCTTTACTAAGTCTCT
[A,G]
TGTATGTTTTGAGTAGGAGTCATTCTCTAAGTAACCTGAAATATAATGTGTATGTCAT
TGATACATTTGAATCATCATAATCATTTCCACATGTGAATATATAATTATATGAATTTT
TGGCACTAAGTAGGTTGGTGGCTTTAAGGAAGTCATTATGTCTTTTAAAGTCTGATTTT
CTTATTTTTTAAATATAGGAGTAGGACATGAAGATATCTAAACGTGCTCTTACTTAAAC
ACTGTATGTTCTAGAAATGCTTAGTGTAAAGTATATAGAACTTTGGTAGAGATTACATG

TGATATTTTTCAGTAGAGAGTATTCTCTAAGTAAATGAATATATGTGGTATATCAT
TGATAATTTGATCATCATTAATCATTTTACATGTGAATATTAATATATGAAATTT

21371 TCTTACTTCAAAACACTC CATTTTCCTAATAATGCTTAGTSTAACGATATATAGAACTTGG
 TAGAGATTACATGCGAGCCTAATCAATGCTGAATTTGGCTTCGATTTGCTAATAAAATA
 TATAAATATCAGTTTTCAGAGGCTATACACTTTTGTCTTCACTAACCACCTTATGCT
 TTTTCTCAGCTAOCCTAAATGAGCTATATAGGAGATACAAACCAACAGTCAATTGCTG
 TTTATTTAGTATGAATAATAAGAGTAGTAAATGACATCAAAATTAACCTCTAGTCAATG
 [A,G]
 CATTCAAATGACAAAGATAATAGTCTAGTCATGATTTCGAACTATTATTATTTTTT
 TAATTATAACAGGCAAAATTTTGAATTTCTTGATTGAGATATCTACCTATTATCTGGAT
 TTTATATTAAATTCAGTCAATTAATTTCTATTAATAATATGTTAGCTTCACTTTTAAAAA
 TAGCTCTATGATAACCTCAATGCTAAATATGAATACCAAAATTTATATTTTATTTTA
 ATAAATATGCTGAACTTTCTGCTTCTGAGGATAATGAGTCACTTAATCAACCTGAGGAT
 22062 TCATTTTTTTTCCAAATGAATATGCAATCAATCAATTTCACTTGAATATGCTTT
 TTTCACTCTGCTGGGCAAAATAGTTTCTACTATTTCTTCAGCTTTACTTCACATTCCTCA
 GGTACCTTATTAAGCTAGTTTCACTCTCTGCTTCTTAAAGATTAATGGAAGAA
 GCTCCCTCCCGTGCAGAACTAGTAAATTTGCAATAACCTTTATAGAACTAAATACAGG
 GTGACTAGATCAATTAATCTCTGAAAGTAGGCTATTTTGGATGAGAGCTGCTATTAAAA
 [A,-]
 TCATTTTGGGGCAACAATTTGAAGCAAGATTTTCCTTGGCAAACTCAATGAATCTTTA
 ATTTAAGCATGAATAAAGTTTATATTAATTTGACTGACTTGTATAGGCAATATATTTT
 TCTCTAGTAATAAGGAGCAATTTTCTGATAATTTTATGCAAACTGCTTGTCTTTA
 CTAAATTAACCTTCTGCTATTAATTTTGAAACTCTTGTGTTATGAGAGAGTAATAT
 AGTTATTAAAGGTTTCTTCTGCAATACAGTAATTTCTGCTCAAAAGAAATTTGTATG
 22321 TCCAAAGTAGGCTATTTCTGATAGAGCTGCTATTAATAATCATTTCGGGGCAACAGG
 TGTAAGCAAGATTTCTCTTGGGCAAACTCAATGAATGATTTTATTTAGGCAATGAATAA
 GTTTATATTAATTAATTAATTTCTTATAGGCAATATTTTCTCTAGTAATAAGGATG
 GATTTTCTCATATTTTATAGTAAATCATGCTTGTCTTATTAATTAATTAATTTGCT
 TATTATTTTGAAGCTTTCTTCTTATAGTAAAGAGTATATATCTTATTAAGGTTTCTT
 [C,T]
 CCCACATACAGTAATTTCTTCTGATCAAGAGAAATTTGATGATACATTAATAATAGCTGAG
 TTTAGTAAGACAAAAAGAAATTAATTAATCATATAGTAAATGACTCAAGATTTTCTTTAGT
 AAATAAGTACAGCTTCTCAATGCAATCTGAGAAGAACTTTGAGAAGAAATATGCAAGAT
 GCTCTAGACTTTATAGTAAGAAATTTTGGGAAACATTAATGACAGGAGAGGAGGAGTGS
 CAAGAGAGGCTTCTAGTACAAAGATTTTGAAGAGCTATGAAATAGAGAGGGGGAAGAG
 22471 CATATATTTTTTTCTTACTAGTAAGGATGGATTTCTCTCATATTTTATGGCAAGCAT
 GCTTTCTCTTACTTAAATTAATTTCTTGGTTATTATTTGCAACTCTTCTTGTATGTA
 GAGAGTAATATAGTATTAATAATTTCTTCTGCAATTAATTAATTTCTTCTGATCAAAA
 GAAATTTGTATGATATTAATAATTTCTGAGTTTATAGAGCAAAAGAAATTAATTAATCA
 TATAGTAATTAAGTATTAATAATTTCTTAGTAATAATTAATAGGCTTCAATTTGAATGTGA
 [G,-]
 AAGAAGCTTTTGAAGAAATATGATTTAGAGTGGCTTATAGATTTGAAGAGAGAAATGCTTG
 GCAAACTAAATTAAGAGGAGGAGGAGTGGCAAGAGAGCTTCAAGTAAAGATGTTT
 GAAAGCTATGAAGGTAAGAGGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT
 AGCTTTTGAAGAAATTTTGGGAGGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT
 GAGAGGCTTCTGAGTCTGAGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT
 22473 TATATTTTTTTCTCTAGTAATAAGAGTGGATTTCTCTCATATTTTATGGCAAGCATG
 GCTTTCTTACTTAAATTAATTTCTTGGTTATTATTTGCAACTCTTCTTGTATGTA
 GAGAGTAATATAGTATTAATAATTTCTTCTGCAATTAATTAATTTCTTCTGATCAAAA
 GAAATTTGTATGATATTAATAATTTCTGAGTTTATAGAGCAAAAGAAATTAATTAATCA
 TATAGTAATTAAGTATTAATAATTTCTTAGTAATAATTAATAGGCTTCAATTTGAATGTGA
 [G,-]
 AAGAAGCTTTTGAAGAAATATGATTTAGAGTGGCTTATAGATTTGAAGAGAGAAATGCTTG
 GCAAACTAAATTAAGAGGAGGAGGAGTGGCAAGAGAGCTTCAAGTAAAGATGTTT
 GAAAGCTATGAAGGTAAGAGGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT
 AGCTTTTGAAGAAATTTTGGGAGGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT
 GAGAGGCTTCTGAGTCTGAGAGGAGGAGTGGATCAAAAGAGTCTGAGTGAAT

24990
 25284
 25934
 27510
 27514

1891

28627

29709

29788

29878

FIGURE 3, page 38 of 51

TTTATTTTACTATTTTTTTCGAACTTTCTTTCTTTACAAATGTATTATTTTCTAGT
TTCTTAATTATTTTATTTAACTTAATTTTTTTATTTTAAATTTTTTTTGTGAATATAG
TTAGTTGGTGGGAGATATTCTTTAAATTTTCTTTCTATATTTTGTGTGTGAATTT
CTGAAATGTGATTTGTATTAACTTTTATATTTAAATTTCTTATAAATTTATTTTGTCTTT
TAATTTGTCTTTCTTTCTGTTTAAATATCTTACTTTATTTGAGLATTTTAACTGTCA
[C,T]
GATAACAAAGCTCAGATACTTTGGATTTGATTTGTGGTCTGTGGTCTGTAATTTATTTTG
TGCTTGGGGAGAAATCTCTTACTTTGAAATTCATTTGATCTCTCTCTTCTCTTTGTAGAAGCA
TGAGTACTCTCCCTTGAATTTTCTCTCTCTGATATACTATTTCTTAACCTCAGCTTTCTGTTT
TTCTTTTGTGACATTTTCTTGGGCTCAGAAACACCTATTTTGAACATCTCTTTTGACAT
CAACATATACTGTAGATCTTTTCTCTTAACTCTCTGTGCTCTTTTCAAAATACATGTTT

ATAC TTTCATATTATGTTACATTTACTTTCCTTACGTGACCTTTGGATCTACCTTAGGC
CCATCACTCACTCCTTCTCTCTCTACAGACGCTATTTTCAAGTGGCTGGTCCCAACCAT
AACTCTGTGCTTTAGTAGAGATGAGACAATGTTTGAAAGATTCCTTCTCAATTTGGTA
TTTGCGGTCTTATTTGTTTCTTGTGTTGACATTACAGTCAATTTTGAAGTGTGGGCAAT
TTTGCTTTTAAAGTTATACTGAGAACCTAATTTTGTTTACTTTACCTTTCTCTTTT
[T, -]
ATATACATTTTGAAGGAAATATTGGGAGATGAACACACAGGAAATTTATGAAATTTT
TCACTACTCTCTTAGAATTTTATTTATTTTCTAAATCTCTCTTCTCTCTCTCTCTCT
AGTTCTATCTAGATTTCTTAAATTTGAAATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
TATTCTATCTATTTTATTTTCTGCTGCTGAAAGTATACTTAAAGTCAATTTATA
ACTCTGTGCTTAAATTTATAGATGTAATCTCTATACATTTACTGACAGAGGTGTGTT

[illegible][illegible]

TTTG TGTGGC CG ATTA TTTCACGTTAAACATAATGTCATCAGT T TATCCATGTTGTTGCCAA
 ATCACAGAAACCATATC XT TTTT TTTTGTGCATCAATCGGTACGCAATTTATACATATACCA
 AAC TTTCTTTG CATGGCTAGACGCTTCTGTGTAATAGCAGT TTAACATTAGGAAACAAT
 CTTTGTGGTCT ATAGAATACATTTTCTATAACATTTAACTTATTTATTTATATATCT
 ATATGTGTTTTT TTTGAGTTATGATTTGAGCTTTTTTTTCTTT TT TTTTAAAGATGGAGT
 (C,T)
 TTGCTGTTGTT TCCAGCGCTGGAGTAAATGGTGGCAATCTTGGCTCAATGCCAACCTCTCT
 CTCTCGGGTTCAGCAATCTCTGTCTCAGCGCTCTGAGTACGCTG GATTATAGGCAATG
 CACCAACCATGT TGGGCTAATTTTATTTTGTAGTAGAAT AACCTCTCTCATGTTTGTG
 AGTCTGGTCTGTTGGTGTCAAACTCTGTGACCTCAGGTGAGTACACCCACCTGGGCGTTCTA
 AAGCGCTGGGATTACAGGTGTGAGCGCAAGCTCTCTGGCCAATTTGATT TTTTAAATATCTT

AAATTTCTTTGCGATCGCTTACACTTCTTTTATATAGTATTTTATCATTAAGGAATAT
CTTTCTGCTCTGTAGAATACATTTGTATATAACATTTAATTTGATTGATATTATATCTT

32134

32215

32570

33389

33434

FIGURE 3, page 40 of 51

5735
 CAGCTGATTTTTAAATCAATTTGAGTATACTATAAATTTCGAATCTTTTCTTGATTT
 TCTTATATTTATTAAAGAGAACTTATTTTAAAAATCTTTTATCATTAGCATGTCTTGATAAC
 TTCAATAACTTTTAAATTTTCTTTTCCATGTCTTCTGTGTTTAAAGGTTATSTSTT
 GATTTTCATGGAACTCTCTTTAAATTTTGTGTTTGAATGGAGTATGTGGAATAA
 TTGASATTCATACATATATTTATTTATTCAGAGAGGACTTAATTTTGTTCGATAATCA
 [G,T]
 GTTGAGTAAAATAAATTAAGTGTGATTTGGTCAGAACTAGCGTAATTTGCTTGGTAAAT
 TTTATTTTGGCTAAGACCAACCATTTGAGATCTCTGGACTGACAGCCTGAGSTTTGACG
 AGGACCTCTCTCTCTTTTGTAGTCAGACATCTCTAAATAGCTCAACTCTCTTCTT
 TTTAGATGTTAGGAGCTGCTTATATTTGGTTTGTCAACATCACATACGTACAAATTTAG
 GAAACAGAAATGCTTTGAGGGGAAATCCCAATGTAGAAATGTCGATTAATTTCCGTTCT

33853 TTTCTTAAATTTATTAAACAGAAGTTATTTTAAATCTTTCGATCATTACGATGTCTTGA
ACTTGGGTAAGCTTTTAAAAATTTCTTTTCCATGGTCTCTCTGTTTAAAGGTATCTGG
TCTTAATTAATGGAATGGGCTAATTTCTTATGGAATGGGCTGCTGATGTAATAAAT
AATGGAGATCTTAATGATATTATTTATTCTAGAGAGGATTAATTAATGTTTGAATAT
CAGCTTGATTAATAAATCACTGTCTATTGCTCAGAACTAGCGTAATTTCTTGGTAA
[G, A]
CTTTTATTTGGCTAAGACCAACCATTTTGAGATGTCTGGACTGACAGCCTGAGGTTGTA
CAGGATCTCTCTCTCTTGGTACGACATCCCTAAAAATAGCTCAACTCTCTCTGCTGT
TCTTTTATGCTCTAGGAGCTGCTTATATTCTGCTTGCAACATCAGATACGATCAATTT
AAGAAACAGCAAAATGCTTGAGGGGAAATCCCATGTAATGTCCGATTAAATTCCTGT
GGTGTGCTCTCTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGT

[illegible]

34130 ACTAGCGTAATTTCTTGGTAAAGCTTTTATTTTGCTTAAGACCAACCATTTGAGATGT
TGGAGTCAGAGCGTGAGGTTTGTACCAGGATCTCTCTCTTTTGTAGTCAGACATCTCT
AAATAGTTCAGCTCTCTCTGTGTGTTTATATGCTTAGGAGCTGCTTATATTTCTCT
GTCAAGATACACATAGTACAATTTAGGAAACAGCAAATGCTTTGAGGGGAAATCCCATGT
AGAAATGTCTGATTAATTCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
[G,A]
TATGTCTCTGTGTGTGTGTGTATTCAGGGAATCTTAGCTGTCTGATAGCGCTTAAT
CGAGTTTGTCTCTCCAGGCAAAATAAAGATATAAAGCTCTAAGCTGCTCTGTGTGT
TCACTCACTATTGTGTGTCTCTCAAAACAGCAAATATACCAAGGGCAACAACTGGCCAAAG
AGTAATCTAGAACTCAGCTCATTTTCATTATCTTCAGGGAATTTATACATCAAAATCTGTG
CTATCTGATTTTGTCTGCTTCTTCAACCATCTGTGTCTTTTATTTAAAAAAATTTATA

34132 TAGCGTAATTTCTTGGTAAAGCTTTTATTTTCCTTASAGCAACCAATTGAGATGTCTG
GACTGA TAGCCTGAGGTTTGTACGAGGATCCTTCTCTCTTTGTTAGTCAGACATCCCTAA
AATAGTTCAACTCTCTCTCTTTTGTTTAGATTCCTTGGATCTGTCTATATTGTCTTGT
CAACATACATACGTACAATTTAGGAAACAGCAAATTCCTTGAAGGGGAAATCCCATGTAG
ATGTCCGATTAAATTCGGTGTGTGTGTGTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT
(G,A)
TGTGTGTGTGTGTGTGTGTATTTCAGGGAAGTCTTAAGTGTCTGTATATCTGTAAATCG
AAGTTTTGTCTCTCCAGGCAAAATAAAGATCTAAAGGTCTAAGGTCTCTGTCTGTCTTC

[illegible]

GCGATATAGAAAGAGAGTAAAGTCCAGGTTAGCGTTACAGAGACCGATTACAGGTTA
 TTGGTTTAGTGTTCAGATAATATGTTTAAAGGCGTTCAGTTTGTGAGTTTAAATCAAGTGT
 GAGATTAAGATTAATTAATTTATTTTAAAGTAAATTAATTTTGTGATTTGTGAGTTAT
 TAATTATGTGAATTGACTTAAAGGTTATGAAATGAAGAGAGCTTTCAGATGTGAGT
 CATTATCAGAGTTAGGAATAAGTTTACGGCTATGTATGCCAAATGCTATGTTGTCATTTC

[3,4]
ACCTGAAGATGAGCTTAGATAGTAAATGAACATCAAGCTTGGCAAGAAAGTGACAAA
CAAAATGAAGTGGAACCAAGGGAAGAAAGTTTCACCAAAATGTTTGTATATATATCT
ACTCAAGAAATATATATATATTAAGATGATTTTGGAACACAGAAAAGCTTTAATATACA
CGTGTAATAGCTGCTTTTAAACAAATGATGCAAGATGAATGAATTCATAAAATAGTACATG
CTAAAGCTATATATTTCTTTTATAGTGAATATGTAAGCTTATGTTTGAAGTAACCA

AAATGAACATCAAGGTTTCCACAGTAAATGACAAACACACACGTTGGTAACCAAGGGAAAG
AGAAAGTTTCAAAATAATTTTCTACTATTATTTCTTCTTAACCAAAATCTACTATACAAATAA
GCTGATTTTTGCAACAAACAAGCTTTAAATATACGCTTAAACAGGTTACATTTTAAACAA
TATGCAAAATATGCAATTTCTATAAAGTATATATTTGCTAAATGTTATATTTCTTTTATG
TGGAGTATATGTAAAGTTTGGTTTCTTCTAAGTTACCAATATGCTTATAGAAAACAAGCCTGTTTG

TGAACATCAAGCGTTGCCAAGAAAGTGACAAAACAATTGACGTGAAAACCAAGGGGAAGAAG
 AAGTTTCAAAGAAATCTTTTATATATTAGTTCTAGTAAAGCAATTACTATACAAATTAAGT
 ATATTTTGCAGAGAGAGAACTTTTAAATATACAGCTGTAATTAAGTTATTTTAAACAAT
 GCACAAATGCAGATTTCATTAAGATATACATATGCTAAAATGTATATTTCTTTCTTTAGTGG
 AGTATTTGAATGTTAGTTTCTTAAATAACCAATGCTAGAGAAAAGAGAGCTGTTTGAAG

GTATAGGTTGATTTTACGAATATGCAAAATATGAGATTTATAAAGTGLACATTGCTA
AAATGTTATATTTCTTCTTTAGTGGAGTATTGTAATGTTAGTTTCTAAGTAACCAATGC

[illegible]

GAGCGGGAGAGGATCACTGAGGCTCAGGAGTTCAAAAGAGGCTCGGGCAATACAGTGAAGCT
CTTGCCCTAATTTTAAAAATAAAATTCTAAGTAAATTTTAAAAATAAAATGTTCAAAG
TAAAAAAATTAAAAATTAACAAAAAGAAATTTGAAGAGGCTTATCAGAGAAATTCATGTCA
ACCGAGTTTGAAGATTACTAGTCTAGGCGCATTTTTCAGCTATAAATTTAGTAGGGAATAGAG
TAGGATTAAGAAAGAAAGTAACAAATGGTACTACCGGACGTAAAGATTTTGTATGAGGAAGA

[T.A]
TGGCTACTTTCATTATATATATGGCTTGGATTGCTTATTTCCCATCCTGCCCTGCCCTT
AGCGCGCTTGTGCTTTCCTTCCCTCCACCATTACTAATTGGTGCATAAATCAAAAT
ATTTCAAAATCTACAGCTTTCAGCTTAAATGGACACTGTCTGAAATCTTTCTTAAG
TCCGCTTAAGTAAAAATATCTTACTAATTTCTATCTCTTTATACCCCTCTACACT
TATCAATTTCAATTTACGATATAGATGGTGAACCAAGAAGTCCCATTTGGTCTT

[T, C]
GCGTGGCCCCCTTAACTGAGTGTCTTGGCGCTGCGCGCTTCTGCGCAGCACTTACTAATTTGGTGGT
ATAAATCAAAATATTCTTCAAAATCTTACAGGTTCTCAGGTTAAATGCAACATCTTGTGTGAA
ATCTTTTCTTAAGTTCCTCTAACTTAAATAATCTCTACATCTTCTATTCTCTTTATATCT
CCCTCTACATCTTTATTAATCTTCAAACTTATGTAATATATGTTCTCATACCAAGAAGGTTCT
ATTCTGTCTCTGTGAACTTAAATATATATAAACTTAACAGAACACTGAAAAATGTCTT

[G, A]
AGAGCAGCAAAAGGGTTA TTAGCTGATTCGAGAAATATGTGT TACTTTTGAATCTCTCTCTG
TGTATTCGTGATGAATTCGAATCAT TAAAGCAAT TGCATAACCTCTTTGT TCCCTATTTC
TTTTTCTATTTCAAACATAGAACTAACAGCAAGTITITGTAATTACCTCTTCTGCTAGAAT
TCAGAAGATGGTGGCTTTTACAATATATTAA TCAAAATCGGAGCTGATACCTATAAAATTTT
CCACTAAGTGTTTAACTGTCTATGATGATACGTAAGTACTTGTACTTTTCTCTACATGT

[A, G]
 GAATAAATAAGACGAGATCAATCAAAATTATATGATGAAATTATGCACTTAGGCTTAATGCT
 TTGGCAGCTGCTGTAATTTTTTGTGAAATTTCTCCCAATTACTAGAAAAGACAGTAAATTTG

FIGURE 3, page 45 of 51

1996

57866

64841

65054

65135

FIGURE 3, page 46 of 51

TTGCGATATTGCGATGCGACGCTTCCGAGCGATGTAIAATTAATTTTACTAGAGGAAAGTTT
GTTATACCGAACAGAAAAATACACAAATTTTAAATGATATTAATAGATAAAATTTGGGT
TGTTTCTACAAATGGGAAGCAATTTACGATATGACAAATTTGATGATATTCACAAATATTA
AAAAATACATCTTTAGACCAAGATAGCTAGCGAAGAGAGAAAAAAATTAATGCGAAA
GAAAGGCTTAAGTATGCGAATTAACAAATAAAAATCAAAAGGAACCCAACTATGCTATAG

[illegible]

[A, 5']

TTCCTTCGCGCATGTAAACAAGGATATGGCATAGCTAGTGGACAAAATCCATTCGSTATC
TCAATTCTTTTCCTTCATGCTTAAAAATATTTTATAAGTTGTATAAATATATTTGAGG
TTCCTTTATCTCTGATAAATGAAACATAGATGATTTTGTCTGATATTCGCAATGTTTCCT
GGGAACTTAAATAGTACTATAAGAACTAGTAACTGTTTGGAAATTTCTTAAGAGAAATTTG
AATGGATTAATTTATAGCAATCTGTTTCTATATAAGTCTATGCTAGAGATGCTATGAAAGAA

TGC TTG TAT CTACTATAAAT TAA CCA TAGTA TT TTTGTTTCTATT TCGA TATTTTCT
 GGG AAT GTAAATTAGTATAAGCAATATGCATAA TTSTTTGGAAGTTTCTAAAAA AAT TT G
 AAT CGATTATTTACTGCAAT TGGG TTT ATATAAA TTCTATGCTAGAG TGTGAT TAAGCA
 AAA CGAAAT TTGTGAAGTCCTTTT TCGATAAACT TATTTTCTAT TCAATATTAAGCATAT TAA
 TCGATAAG TTAAGCGACAGGCCAAT TTAACCT TGA TAAATATACTCTTGTAAAT TGTGGA TCC

[illegible]

CGATTGGAGCCTTTGFFGACATCTTAGGTATACATGCTTAACTTCTCAAAAATAAAAGGAT
TTAATCTGTGTTTCGAAGCGATATTCCCTTGATATAACTGTCGACTATTCCCTCACTTA

[illegible][illegible][illegible]

FIGURE 3, page 48 of 51

[illegible]

CTATAGGCATTTCGACATTGAACCTACTTATTTTACGTTTCCTCAATTTATTAACATGTG
AAA'TATAGAAATTTATTTATCCAGCTATCTGGAGAGACATTATCGAGAGAAAAAGAGAT
AGAATGTGTCTTTCTCTTCAGGCAATCATTAATCTACTTGTGAAAAAATCATCGCAA
TAGAAACATAATAAGATACCTATATAATAATATCTAGAGATAAAGATCAAAATTAAACA
GAGTGTGTGAGGGCAATTAAATTAATATCAAAIAATTTCTCATCTCTTCTCGAAGTAGG
[S,T]

TATTTTTATAACAATATACAAATAGATATTTTTATTATTTTAAATAACATATTTTTATT
TTTATAAAACATATAAACTTTATTTTTAAAGGAACCTTTTGTGTGGAACAGAGACAGGTAT
CACAAAGCCAGACCTATGTGCTATGCTAAGCATATCCAGGCACTTTGAGACATCATAT
TATGTGGCTGTGGAACAATTAACAGGGAACAGGTGTTGAACAACCTTTGCGAGGGA
GAGGATCTCTCTTATTCTGTTGTTGTAATTAATTCATTATATAAAATATAAATCTCATGGAA

[illegible]

AATATTCTAATTCTTTATAAAGCATAAAT TATTCTTAAAG AACTGCTTCTTC-TGGAA
 ACAACACAATATCACAAAGCTAAAGCTACCTTCTCTATGCTCTA TATCTGAGGGCTGCTCT
 CAGCATATATATTATGTGGCTCTCTGAAGCATTGAA TA TGCACATAGTCTTGAAGAGAACT
 TTGCTGGAGAGGAGGAGGCTCTCTCTAATTTAAATGCTGTAATATCTATTAAGACATAT
 AATATGAATGGAAGCTTGCTGAAGAAATCTGCAGAGAAAGCTGCTCTCTCTA TGAAGTAAT

CACCTGTAAATAAATACAATTCATAAAACATATAAACCTGATGGAAATTTGAAAGGAAAAATTT
 CCAAGAGAANGTGTGGCTTCACTTAAGTAATTTTTTGAAGAAAAATTTTAAAGTTTTCAGGA
 TAACTAAATTAAGAAAGAAACATTAACATAGAGGAGAACTATGTCAGCTTGCTTGAGGCTTAC
 ATGTGAGAGACAAAAATAGAACTAGCATACCTTCCAACTGTGTCTTCCATATAATAGCC
 ACTAAGCAGCATATAGAGCACTTGGCTTAATTAATTAATTAATAAATATATATATATATAT
 [G.A']

GTATTTTAGTAGCGCTA GTACATTTTCAA TT T TCAATAAGCAATG GCACTTATGGCGA
TCATATTGAAGAGTGA CATGTAGAAATGTGTAT AGCAAGAA GTGGTATTGGGCAAT
TTTATTTTGAAGTAGGAAAAGAAATATTTT TTTTGA GTAAAGAAAATCAAGGTATGTTTCA
ATAGAAGAGTGGTTTAT TTTTGA GTGTGGTGAAGAT TTTTAAA TT CAT GTAAAGTTTAC
ATTGTGTTCTGTGTA CGC CAG AGCAAGTTATACA CT TTTTAAAG TA AGA TGTATATTTTCA

GAGTGTATAGATAC CAC CAC CAACAGCTCTTTT TT CTACCTTGG GTA-CAAAA GAGCAC TG
CTTAATATTTATATTTTCATTTAAAA CATCATAGATAT CACAG CAGAAA GG GAOCAGAT
TAATCATTT GAGTAAAAATT CC CATTTAAAAAANT TAACTTTTAA CAG TAAATA GT BGAGCGATG
GTTGAAAC TAATAAACAAA TAGAA CAATT CATAAATAAA CAAATA GAA CAAT TCATAAAT
GTACAATTAAGAAAAATTTTCTA C CTAGAACATTTTCTC CAAAT CTCA GAATCAAGTAC
[A,C]

[illegible]

ACCAATTTCGATTTCACATTCTTGAATTATTATTTTTCATTTCATTTCGATTCCTTACTG
TACCAAAATTTCCAGGATATATAAATCTTTTGGTACAAAAGAAAAAAATATCTCTTCTGTG
TATCTCTCTTATCTCTCTTTCGACATATTTTAACTTATCTATTAAAGTATCTGACATGGT
TATTGGCTCACTCCTGTAAATTCACATCTTTGGAGGCCAAATCTGGGCAATCAATGGGGT
CAGGAGATTGATCCATCTCTGGCAACATCTTAAACATCTGTCTCTACAAAATACAAAAA
[1, A]

ATTAGTCAGGCA TTGGTTAAT PTTAAACITTAATAAATAATTTAAATTTCTAATTTCT
GAATTCATTATTGTGATTAATTTAGTGCCEATTTTATTATCATTTCTTTGAGATAAAG

77/44

TGGAGATATAAACTTTTCTCTTTTCTTAA-GAAAGCTTCCATCATCTTGTTTTTTACAGTGT
 AAAAAAAAAAATCTTAAGGAGTCCGTACATTTCTGTGTTTTCTCCTCTTTCAATTTGGTCAAT
 ACTTAATATCTTTATGTTTTATTTTTGAGAAATGTTATCAATCTTCATTCCAATTAATTT
 CTATTTCTCTCTGTGAAAGCTACAGGTGATTTAGATTTTCTCACTTTCTAGGTTCCAGCATGTGA
 TCCGAGATTTCCCTTTATCATCATTTTAAGCCATTTTTCATCACTATGAGCAGTTTNTTC

80047

GATAATGCCGTTTCATATATCGGAATGTGTTTTCTACCCATATAATCTTAAAATTCGCTCCCT
AACAATTTTTTAAAAATTAAATTTTCATTCTGATTAGCATAAGAGCATATGCTATTCAAGTA
TCAACTGCACAGGAAATAGCTACCAATTCGTCTCTCTCTTTTTTTTTTACATGATTTTACT
GCTTCATTTAAAATTIAGGAATCTAATCACTATCCGCGATTTCCATCCCTCAAAAGATCTGT
CATTAACATTTAATAAGATACCTGCTCTCGCTTTTTCTGATATACCTAAGCAAGTTTAATC
TGA
TGAACCTACTTGTGTCTGGGGCATTTTCTGCTATCTGCTAAGCTGCACATTTCTTCTTAAT
ATGAATATTGTAACCTGCATGATGCTTTAAATCTTTTAAATAATCACTAAATGTGAATAT
TTGCTTCTTTTGCATCTACTGCAATTTTAAATTTGTAAGCTTGGAAATCTATGTTTCTT
TTTAACTCTAAATATGGACATGAATATAGTTAAAGTTTGAAGATATTTAAACTTTTGTAT
ACATTTTETAAGATGTTTTTTCACAAAAATTTTAATTTCTTTGAATATTTCAAAATTTAG

81992

CACTCTGATTCGAATGAATAATATTTCTGCGCGCGCAAGAGATGATTATGGGTATCAGTG
TTTGGAGGGCAAGATTGTGCCAGCTTCTCTGTGTTGTTTGAAGACTGCAGAACAGGATC
TTGAGGGGAAGGAAGGATACACATACCGATTCGCGCAAAATGACTCTTATTCTAGAATATT
TTTCCCAACCGGTTTTTGCGCTGTTCAAATCGGTTTATTCGGTTTGGCTATCTTTACTTATA
AAATCTACTTTCATAAGCAAAAATCAAAAGAAAGTCTGATTAATTCAGTAGAATCTTTTGT
[A, 3']

GTCTCAATAACTGGAAGTATAAATTTAAATCGCAGAGAATCCAAATGGTTAAAATGTGAATA
GTATTTTAACCTATTCTAAGAGCTTCAGAAAGTAAATAAAGTAGCAGCTTTTCAGGCTAATTT
ACGTAAACTGATTAGTTGAAAAATCCAGTAAGTTAAATCTCATACATATTTTCTACTAA
ATTTTCCTTAAATTTACTTAATGTAATATAATTTGAAATTTTAAGTCTATGATCAT
GTCTCAAAAGATGAATAATTTAATACATATTTGCTTAAATATAATCTATAATTTGTTT

82852

GACA CAATATTAAACAGAA GCGCAGTT GCATT TACCTT TGGTGATT TGC AAACTT GGAATG
AABC CACCACTCATTTT TTAAGAATGCAAGAT GAAAAATTCAGGTAAATCTAACCATTT
TAIT TCTGCTTCATAG CATTTATAAT GTATGATGAGGT TAA CACTGAAATATTTAAATC
TGCAATGCACTTAATGCAAAATTAA TGCAAGAGAGAAATGATTTATTTTTCTTTATGT
TTTATGCAAGTGTTCAGT CCGTAAAAATAAAATAT TGATGGAACTTGTCTGTATTACT

ATCTGCTTAAAAAATTATTACCTGGCAAACTGAGTTGCAGGTACATTGAGGACAAAATC
TTAAATATGTGCTATTATGCAATTGTTT

82854

CAACAATATTAAACAGAAAGGCAATTGCATTTACTTTGGTGATTTGCAAACTTTGAATGAA
GGCAACAGTCATTTTAAAGAAAGCAATGAAAAAATAGATAAAATCTAACCATTTTA
TTCTCTGCTTCATAGCATTTATAATGTATGATGAGGTAAACACTGAAATATTAAATCTG
CAAAATGCACATTAAAGCAAAATTAATGAGAGAGAAATGATATTTTTTTCTTTATGTTT
TATGAAAGTGTTGCAGTCCCTAAAAATAAAATATTAGAGAACTTGCTTGATTTTACTGA
[T,C]

GTGGTTAAAAAATTATTACCTGGCAAACTGAGTTGCAGGTCACATTGAGGACAAAATCTT
AAATATGTGCTATTAGCATTGTTT

[illegible]